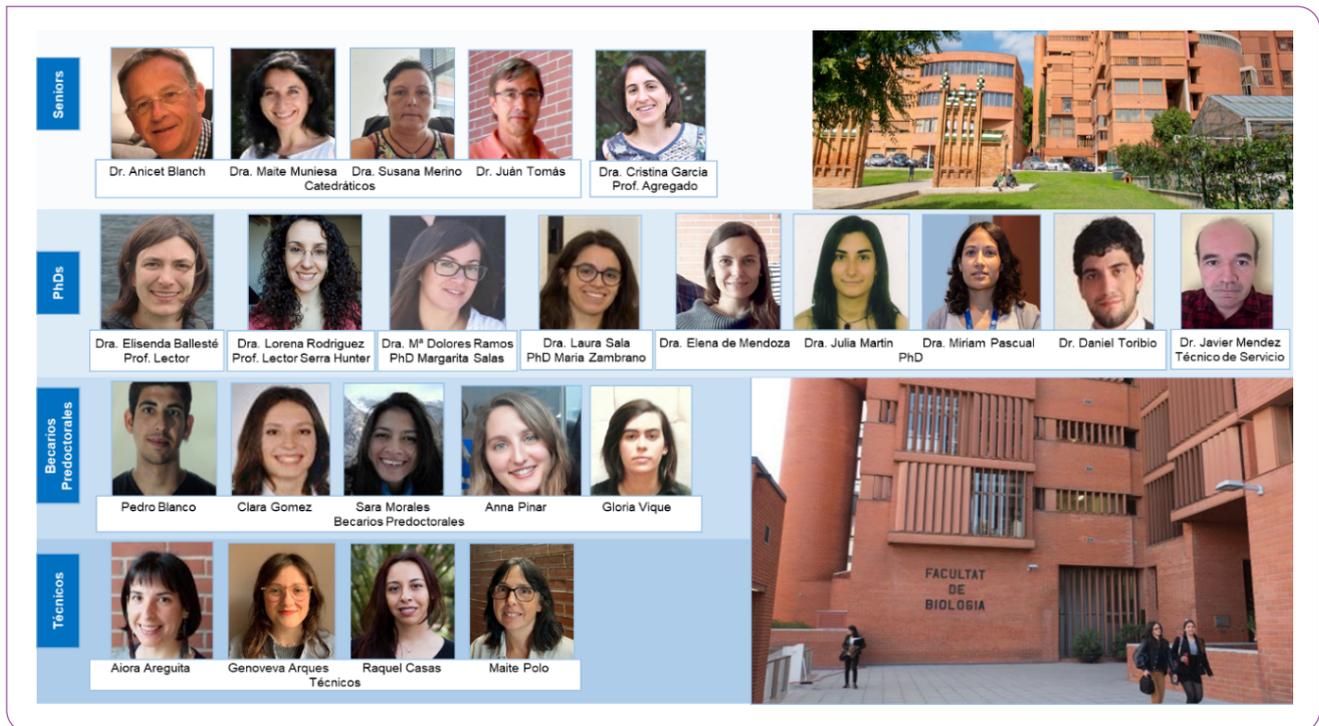


Microbiología del agua relacionada con la salud (MARS)

S. MERINO, A. R. BLANCH, M. MUNIESA, J. TOMÀS, CR. GARCIA-ALJARO

Sección de Microbiología, Virología y Biotecnología. Departamento de Genética, Microbiología y Bioestadística. Facultad de Biología, Universidad de Barcelona

✉ smerino@ub.edu



Miembros del Grupo MARS.

El grupo de Microbiología del Agua Relacionada con la Salud (MARS) tiene más de 30 años de antigüedad, se halla ubicado en el Departamento de Genética, Microbiología y Estadística de la Facultad de Biología de la Universidad de Barcelona y su composición ha ido evolucionando con el tiempo. Actualmente, está formado por 23 miembros: 4 catedráticos, 1 profesor agregado, 2 profesores lectores (uno del programa Serra-Hunter), 7 investigadores postdoctorales (uno con contrato María Zambrano y otro, con contrato Margarita Salas), 5 estudiantes predoctorales y 4 técnicos de laboratorio.

Su actividad investigadora engloba diversos aspectos directa o indirectamente relacionados con la transmisión de infecciones a través del agua, centrándose en el estudio de diferentes microorganismos patógenos e indicadores en muestras ambientales y en alimentos. La diversidad en la formación y la experiencia en diferentes ámbitos de la microbiología, así como las colaboraciones establecidas con diferentes grupos, confieren al grupo MARS un carácter multidisciplinar. Esto, permite enmarcar su investigación dentro del concepto transversal de "One Health" para resolver problemas de salud global y ambiental.

Las líneas de investigación del grupo se centran tanto en investigación básica, que contribuye al conocimiento general y necesario para el avance de la ciencia, como en investigación aplicada, que tiene un impacto social directo. Los estudios desarrollados tienen como objetivo garantizar la calidad de las aguas de consumo, evaluar los tratamientos de depuración de muestras ambientales, biosólidos, aguas de baño y empleadas en acuicultura, realizar valoraciones de riesgos (QMRA), estudios de microorganismos patógenos o indicadores (bacterias, virus y parásitos) en muestras ambientales, así como ana-

lizar los factores de virulencia de bacterias Gram negativas (fundamentalmente *Enterobacteriaceas* y *Aeromonadaceas*) que interaccionan con humanos y peces para conocer como producen enfermedades e identificar sus determinantes de virulencia susceptibles de ser empleados como dianas en el desarrollo de vacunas o antimicrobianos que permitan su prevención.

El grupo tiene proyectos enfocados en el estudio de la movilidad de genes relacionados con la resistencia a antibióticos y virulencia bacteriana, trazabilidad de la contaminación fecal en las aguas y en alimentos, desarrollo de tecnologías para la detección de patógenos e indicadores, caracterización de biofilms de microplásticos y evaluación de su riesgo microbiológico, análisis de interacciones entre microorganismos (bacteria-protocoo y virus-bacteria), así como análisis de mecanismos de regulación génica de factores de virulencia, entre otros.

Durante el periodo 2017-2021 el grupo ha tenido diversas fuentes de financiación: 30% proyectos competitivos de administraciones públicas, 3% proyectos internacionales y 67% contratos con el sector privado. Además, ha colaborado con hospitales del área de Barcelona, institutos de investigación y departamentos de diferentes Universidades Nacionales e Internacionales, así como con diferentes empresas: Acuorios OceanWorld S.A., Sociedad General de Aguas de Barcelona S.A., Barcelona Ciclo del Agua S.A., Aguas Ter-Llobregat, Consorcio de la Costa Brava, Cetaqua, Fertinagro Biotech, ANgelini S.A., Direcció General de Salut Pública de la Generalitat de Catalunya, Veolia, Rubinum S.A., Ecoprogres, entre otras. Además, dentro de las actividades de transferencia de conocimiento y tecnología, el grupo MARS creó en 2016 la spin-off Bluephage S.A. para el desarrollo de kits de diagnóstico rápido de colifagos como indicadores víricos de la calidad microbiológica del agua, alimentos y biosólidos a partir de una tecnología previamente patentada.

Esta actividad científica ha permitido que en los últimos 10 años (2011-2022) el grupo MARS haya producido 225 publicaciones en revistas indexadas, con un total de 3.957 citaciones (3.803 citaciones excluyendo las propias). El grupo ha tenido durante este periodo un índice H de 40 y los miembros del grupo han sido citados en 5.570 artículos (4.968 excluyendo citas propias).

Publicaciones destacadas de los últimos años

Ballesté E, Belanche-Muñoz LA, Farnleitner AH, Linke R, Sommer R, Santos R, Monteiro S, Maunula L, Oristo S, Tiehm A, Stange C y Blanch AR. (2020). Improving the identification of the source of faecal pollution in water using a modelling approach: From multi-source to aged and diluted samples. *Water Res* 171:115392. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2019.115392>

Ballesté E, Demeter K, Masterson B, Timoneda N, Sala-Comorera L y Meijer WG. (2020). Implementation and integration of microbial source tracking in a river watershed monitoring plan. *Sci Total Environ* 736: 139573. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.139573>

Ballesté E, Pascual-Benito M, Martín-Díaz J, Blanch AR, Lucena F, Muniesa M, Jofre J y García-Aljaro C. (2019). Dynamics of crAssphage as a human source tracking marker in potentially faecally polluted environments. *Water Res* 155: 233-244. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2019.02.042>

Blanco-Picazo P, Gómez-Gómez C, Tormo M, Ramos-Barbero MD, Rodríguez-Rubio L, Muniesa M. (2022). Prevalence of bacterial genes in the phage fraction of food viromes. *Food Res Int* 156:111342. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2022.111342>

Blanco-Picazo P, Gómez-Gómez C, Aguiló-Castillo S, Fernández-Orth D, Cerdà-Cuellar M, Muniesa M, Rodríguez-Rubio L. (2022). Chicken liver is a potential reservoir of bacteriophages and phage-derived particles containing antibiotic resistance genes. *Microb Biotechnol* 15(9):2464-2475. <https://doi.org/10.1111/1751-7915.14056>

Di Guida R, Casillo A, Tomás JM, Merino S y Corsaro MM. (2022). Complete characterization of the O-antigen from the LPS of *Aeromonas bivalvium*. *Int J Mol Sci* 23(3): 1204. <https://doi.org/10.3390/ijms23031204>

Edwards R, Vega A, Norman H, Ohaeri M, Levi K, Dinsdale E, Cinek O, Aziz R, McNair K, Barr J et al. (2019). Global phylogeography and ancient evolution of the widespread human gut virus crAssphage. *Nat Microbiol* 4:1727-1736. <https://doi.org/10.1038/s41564-019-0494-6>

Forn-Cuní G, Fulton KM, Smith JC, Twine SM, Mendoza-Barberà E, Tomás JM y Merino S. (2021). Polar flagella glycosylation in *Aeromonas*: genomic characterization and involvement of a specific glycosyltransferase (Fgi-1) in heterogeneous flagella glycosylation. *Front Microbiol* 11: 595697. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.595697>

Toribio-Avedillo D, Martín-Díaz J, Jofre J, Blanch AR y Muniesa M. (2019) New approach for the simultaneous detection of somatic coliphages and F-specific RNA coliphages as indicators of fecal pollution. *Sci Total Environ* 655:263-272. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2018.11.198>